

野鸟源 H9N2 亚型禽流感病毒内部基因对 H7N9 病毒致病性的影响

Testing the Effect of Internal Genes Derived from a Wild-Bird-Origin H9N2 Influenza A Virus on the Pathogenicity of an A/H7N9 Virus

Wen Su, Chengmin Wang, Jing Luo, Yuliang Zhao, Yan Wu, Lin Chen, Na Zhao, Meng Li, Chao Xing, Huimin Liu, Hong Zhang, Yung-fu Chang, Tianxian Li, Hua Ding, Xiufeng Wan, Hongxuan He*



何宏轩，中国科学院动物研究所研究员，博士生导师。

野生动物疫病研究组组长，国家林业局中国科学院野生动物疫病研究中心常务副主任，亚太地区野生动物疫病合作网络负责人。主要从事野生动物疫病源疫病的预警和防控研究，包括病原溯源、病原与宿主的协同进化关系、病原生态学与病原多样性等方向。

文章简介

自 2013 年以来，H7N9 亚型禽流感病毒通过不断与家禽中其他亚型的流感病毒，特别是 H9N2 病毒的重组，形成了多个支系。尽管担忧 H7N9 病毒可能具有大流行的潜力，然而目前对可能募集到的具有显著差异的野鸟源 H9N2 病毒内部基因的 H7N9 病毒的生物特性仍不清楚。

本研究产生了 63 株来源于 1 株家禽源 H7N9 病毒和 1 株野鸟源 H9N2 病毒的 H7N9 重组病毒。相对于野生型 H7N9 病毒，25 株重组病毒在小鼠中的毒力增强了。1 株含有 H9N2 病毒聚合酶基因 1 的重组病毒对小鼠及鸡是致死性的，但不能在豚鼠间通过空气传播；然而，3 个与哺乳动物适应相关的突变能赋予该重组病毒空气传播能力，使其具有大流行的潜力。

具有大流行性特点的 H7N9 病毒的产生表明，对 H7N9 病毒进行持续监测，特别是加强家禽和野鸟之间监测仍是必要的。

工作与资助

中国科学院动物研究所国家野生动物疫病研究中心为本论文的第一完成单位。国家林业局中国科学院野生动物疫病研究中心是中国科学院和国家林业局联合成立的专门从事野生动物疫病研究的机构。

团队成员分别来自中国科学院动物研究所、杭州市疾病预防控制中心、密西西比州立大学兽医学院、康奈尔大学兽医学院及中国科学院武汉病毒所。本次科研合作既包括前期研究计划的制定及完善，临床样本的采集与处理，也包括实验数据分析以及论文的撰写。

本研究得到国家自然科学基金、“十二五”国家科技支撑计划、现代农业产业技术体系北京市家禽创新团队、杭州市重大科技创新项目、中国科学院战略生物资源科技支撑体系以及中国科学院知识创新工程重要项目的支持。